FASTA searches a protein or DNA sequence data bank
version 3.3t05 March 30, 2000
Please cite:
W.R. Pearson & D.J. Lipman PNAS (1988) 85:2444-2448

/tmp/fastaCAAygaWej: 995 aa
>SEQ ID NO:2
vs /tmp/fastaDAAzgaWej library
searching /tmp/fastaDAAzgaWej library

    1008 residues in   1 sequences

FASTA (3.34 January 2000) function [optimized, BL50 matrix (15:-5)] ktup: 2
 join: 39, opt: 27, gap-pen: -12/ -2, width: 16
 Scan time: 0.034
The best scores are: opt
M13699 ACCESSION:M13699 NID: gi 180255 gb M13699. (1008) 2671

>>M13699 ACCESSION:M13699 NID: gi 180255 gb M13699.1 HUM (1008 aa)
 initn: 1414 init1: 972 opt: 2671
Smith-Waterman score: 3980; 57.002% identity in 1014 aa overlap (1-992:1-1008)

```
              10        20        30        40        50
SEQ    MKILILGIFLFLCSSPGWAIDRHCYIGIEESIWNYAPSGKNMLNEKPFSEDLE----FLQ
       :::::::::::::::.:.::  ..: :::: :. :.::   ..  ..: .: : :    .::
M13699 MKILILGIFLFLCSTPAWAKEKHYYIGIIETTWDYA---SDHGEKKLISVDTEHSNIYLQ
              10        20        30        40        50

              60        70        80        90       100       110
SEQ    GGQARKSFVFKKALYFQYTDNTFQRIIEKPSWLGFLGPMIKAETGDFIYVHVKNNASRAY
       .:   :  : . ..:::::.::.  :::: ::::::::::: .:::::: .:::..: ::: :
M13699 NGPDRIGRLYKKALYLQYTDETFRTTIEKPVWLGFLGPIIKAETGDKVYVHLKNLASRPY
              60        70        80        90       100       110

             120       130       140       150       160       170
SEQ    SYHPHGLTYSKENEAHGAIYPDNTTGLQKEVEYLEPGKQYTYKWYVEEHQGPGPNDSNCV
       ..: ::..:: ::..:  :::::::::: ..:   . . ::.:::: . :.:.:: ..:.:::
M13699 TFHSHGITYYKEHE--GAIYPDNTTDFQRADDKVYPGEQYTYMLLATEEQSPGEGDGNCV
             120       130       140       150       160       170

             180       190       200       210       220       230
SEQ    TRIYHSHIDTARDVASGLIGPILTCKRGTLNGDTEKDIDRSSFLMFSTTDESRSWYSDEN
       :::::::::. .:..:::::::::.: ::. :.: . :: :::   .::::.::. ::: ..:
M13699 TRIYHSHIDAPKDIASGLIGPLIICKKDSLDKEKEKHIDREFVVMFSVVDENFSWYLEDN
             180       190       200       210       220       230

             240       250       260       270       280       290
SEQ    IRAF-TESGKINTSDPRFEESMSMQSINGYIYGNLPNLTMCAEDRVQWYFVGMGGVADIH
       :.... .:   :.. ..  :.:: :  : :.::: .:.::.:.::::::::.::::::.::.::
M13699 IKTYCSEPEKVDKDNEDFQESNRMYSVNGYTFGSLPGLSMCAEDRVKWYLFGMGNEVDVH
             240       250       260       270       280       290

             300       310       320       330       340       350
SEQ    PVYLRGQTLISRNHRKDTIMLFPSSLEDAFMVAKAPGVWMLGCQ----IHESMQAFFKVS
       ...:.: .:: :: ::: :::.::.: ::.::::.. :: :::.:     .. .:::::::::.:
M13699 AAFFHGQALTNKNYRIDTINLFPATLFDAYMVAQNPGEWMLSCQNLNHLKAGLQAFFQVQ
             300       310       320       330       340       350
```

```
            360        370        380        390        400        410
SEQ     NCQKPSTEAFVTGTHVIHYYIAAKEILWNYAPSGIDFFTKKNLTAAGSKSQLFFERSPTR
        .:.: :..   . :  ::  ::::::::.::.::::::::::::.::.:::: ::  :  .::::.. ::
M13699  ECNKSSSKDNIRGKHVRHYYIAAEEIIWNYAPSGIDIFTKENLTAPGSDSAVFFEQGTTR
            360        370        380        390        400        410


            420        430          440        450        460
SEQ     IGGTYKKLIYREYTDASFQTQKAR---EEHLGILGPVFKAEVGQTIKITFYNNASLPLSI
        :::.:::::.:::::::::  ..:  :     ::::::::::. ::::.::..::.:... ::::
M13699  IGGSYKKLVYREYTDASFTNRKERGPEEEHLGILGPVIWAEVGDTIRVTFHNKGAYPLSI
            420        430        440        450        460        470


        470        480          490        500        510        520
SEQ     QPPGLHYNKSNEGLFYE---TPGG-STPPPSSHVSPGTTFVYTWEVPKDVGPTSTDPNCL
        .:  :...::.:::  .:      .: . :.::  .::::.:   :::.: :  ::::.:::::..:: ::
M13699  EPIGVRFNKNNEGTYYSPNYNPQSRSVPPSASHVAPTETFTYEWTVPKEVGPTNADPVCL
            480        490        500        510        520        530


            530        540        550        560        570        580
SEQ     TWFYYSSVNGKKDINSGLLGPLLICRNGSLGDDGKQKGVDKEFYLLATIFDENESNLLDE
        .   ..:::.:.   :::   .::.::.  ::..:::   .:..::  :::::::::. :.:::::: ::..
M13699  AKMYYSAVDPTKDIFTGLIGPMKICKKGSLHANGRQKDVDKEFYLFPTVFDENESLLLED
            540        550        560        570        580        590


            590        600        610        620        630        640
SEQ     N-RTFITEPENIDKEDTDCQASNKMYSINGYMYGNLPGLDTCLGDNVLWHVFSVGSVEDL
        :  :  :   :...::::  :  :  ::::.::.:::: :::   :  ::.:.::..:.:.   :.
M13699  NIRMFTTAPDQVDKEDEDFQESNKMHSMNGFMYGNQPGLTMCKGDSVVWYLFSAGNEADV
            600        610        620        630        640        650


            650        660        670        680        690        700
SEQ     HGIYFSGNTFTSLGARRDTIPMFPYTSQTLLMTPDSIGTFDLVCMTIKHNLGGMKHKYHV
        ::::::::::.    :  ::::    .:: :: :: :  ::. .::.. :.:  :   :::::.:: :
M13699  HGIYFSGNTYLWRGERRDTANLFPQTSLTLHMWPDTEGTFNVECLTTDHYTGGMKQKYTV
            660        670        680        690        700        710


            710        720        730        740        750        760
SEQ     RQCGKPNPDQTQYQEEKIIITIAAEEMEWDYSPSRKWENELHHLRRENQTSMYVDRSGTL
        ::  .  . :.: :  :.      ::: :.::::::::.:.:::::::::::...   ..  ..:..
M13699  NQCRRQSEDSTFYLGERTYY-IAAVEVEWDYSPQREWEKELHHLQEQNVSNAFLDKGEFY
            720        730        740        750        760        770


            770        780        790        800        810        820
SEQ     LGSKYKKVLYRQYDDNTFTNQTKRNEGEKHLDILGPLILLNPGQIIQIIFKNKAARPYSI
        .:::::::::.:::: :.::     ...   :.:: ::::   .   . :.  ..:::::: :.:::::
M13699  IGSKYKKVVYRQYTDSTFRVPVERKAEEEHLGILGPQLHADVGDKVKIIFKNMATRPYSI
            780        790        800        810        820        830


            830        840        850        860        870        880
SEQ     HAHGVKTNNSTVVPTQPGEIQIYTWQIPDRTGPTSLDFECIPWFYYSTVSVAKDLHSGLV
        :::::.:..,..::.:: :::   :.:.:.:.:   . :   :::: ::::::. ..:::.::::.
M13699  HAHGVQTESSTVTPTLPGETLTYVWKIPERSGAGTEDSACIPWAYYSTVDQVKDLYSGLI
            840        850        860        870        880        890
```

```
           890           900        910       920       930
SEQ    GPLSVCR----KDINPN-IVHRVLHFMIFDENESWYFEDSINTYASKPNKVDKENDNFQL
       ::: :::     :  .::     .. .: :..::::::::..:.:.::..:.::.:....:
M13699 GPLIVCRRPYLKVFNPRRKLEFALLFLVFDENESWYLDDNIKTYSDHPEKVNKDDEEFIE
           900         910        920       930        940        950


           940        950     960       970       980       990
SEQ    SNQMHAINGRLFGNNQGITFHVGDVVNWYLIGIGNEADLHTVHFHGHSFEYKHKYLI
       ::.::::::.::: ::.:.:::: :::::.:.:: ::::::::::::.:::.
M13699 SNKMHAINGRMFGNLQGLTMHVGDEVNWYLMGMGNEIDLHTVHFHGHSFQYKHR
           960        970       980       990      1000




995 residues in 1 query   sequences
1008 residues in 1 library sequences
 Scomplib [version 3.3t05 March 30, 2000]
 start: Wed Sep 18 11:18:07 2002 done: Wed Sep 18 11:18:08 2002
 Scan time:  0.034 Display time:  1.433

Function used was FASTA
```